第45卷 第6期
2022年11月

干旱区地理
ARID LAND GEOGRAPHY

Vol. 45 No. 6
Nov. 2022

干旱风沙区植被重建初期对土壤微生物群落结构的影响

张力斌[1,2]， 何明珠[1,2]， 张克存[1]， 安志山[1]， 王金国[3]， 惠迎新[4]， 贾小龙[4]

（1. 中国科学院西北生态环境资源研究院，甘肃 兰州 730000；2. 中国科学院大学，北京 100049；
3. 宁夏交投工程建设管理有限公司，宁夏 银川 750000；4. 宁夏交通建设股份有限公司，宁夏 银川 750000）

摘 要：为揭示干旱风沙区植被重建对土壤微生物群落结构的影响，以乌海至玛沁高速公路腾格里沙漠段生态防护体系的植被重建区土壤为研究对象，以流动沙丘为对照，运用高通量测序技术研究植被重建区土壤微生物群落结构随植被恢复重建的变化特征。结果表明：植被重建区与流沙区土壤微生物群落组成相似，均以放线菌门（58.53%~67.85%）、变形细菌门（16.53%~19.68%）等为优势类群；优势菌属包括诺卡氏菌属、甲基柔膜菌属、微红微球菌属和微枝型杆菌属。与流沙区对照相比，植被重建区显著增加了土壤大部分菌门相对丰度和多样性。植被恢复重建后土壤pH、电导率及盐分含量降低；土壤微生物量磷（MBP）、土壤微生物量碳（MBC）与土壤微生物量碳氮比（MBC:MBN）在植被重建区浅层土壤（0~5 cm、5~10 cm和10~20 cm）显著高于流沙区。因此，对于沙漠公路生态防护体系而言，植被重建能显著改善其浅层土壤养分状况、微生物相对丰度和多样性水平，是改善沙漠生态环境的重要措施。

关 键 词：干旱风沙区；植被重建；微生物群落结构

文章编号：1000-6060(2022)06-1916-11(1916~1926)

干旱区约占中国陆地总面积的25%，自然环境十分恶劣，外加人类对其资源长期过度开发和全球气候变化的共同影响，导致干旱区土地荒漠化加剧，生态环境遭到严重破坏[1-2]，因此，防止其进一步退化已变得刻不容缓。植被重建作为我国干旱区沙化土地生态修复的有效途径，能够改善土壤肥力，减少风沙危害，促使生态环境改善。植被恢复重建过程中，植被覆盖度的变化影响土壤微生物的丰富度及活性，进而改变土壤的理化性质，而养分条件的改善又促进植被的生长发育[3]。土壤微生物与理化性质、植被之间相辅相成，相互影响[4]。目前，土壤微生物已成为评价植被恢复重建过程的关键指标之一[5]。

土壤微生物作为土壤的重要组成部分，参与土壤有机质的矿化、腐殖质的形成和养分转化循环等过程，在土壤结构的稳定和理化性质的改善方面发挥重要作用[6]。土壤微生物对环境变化的响应比土壤理化性质变化更敏感，其群落结构和功能的改变能有效指示生态系统功能早期的变化[1,7-8]。研究表明植被恢复重建对土壤微生物有一定影响[9-10]。随着植被逐渐恢复，土壤结构和养分状况得到了不同程度的改善；微生物丰富度和多样性显著提高；微生物量随植被恢复年限增加而增加，随土层深度增加而减小[4-5,11-12]。吕星宇等[13]针对沙坡头固沙植被区土壤微生物三大类群（真菌、细菌及放线菌）数量的研究表明，微生物数量恢复曲线均呈现S型，恢复速率在18~24 a后达到峰值，24~36 a后微生物数量达到天然植被区的31.6%~83.7%，pH是其限制因子。目前国内学者针对干旱半干旱区的荒漠、草地、湿地、森林等生态恢复开展了大量的理论与实践研究，包括植被重建与恢复对土壤生境及微生物群落结构与功能的影响；然而，由于气候、土壤、植被重建措施等的差异，需根据具体研究对象开展针对性的系统研究。因此，本研究以地处腾格里沙漠

收稿日期：2022-02-16； **修订日期**：2022-04-24
基金项目：宁夏公路建设管理局项目（WMKY1）；宁夏交通运输厅科研项目《沙漠腹地高速公路多元融合防护体系研究与应用》资助
作者简介：张力斌（1997-），男，硕士研究生，主要从事土壤生态等方面研究. E-mail: zhanglibin@nieer.ac.cn
通讯作者：何明珠（1979-），男，研究员，主要从事恢复生态学等方面研究. E-mail: hmzecology@163.com

东南缘乌海至玛沁高速公路生态防护体系的植被重建区为研究区域，以相邻地区流动沙丘为对照，运用高通量测序的方法，对该地区植被重建初期土壤微生物群落结构组成及变化进行研究，探讨干旱风沙区植被重建对土壤微生物群落结构的影响，以期为该区干旱风沙区植被重建及生态修复提供科学依据。

1 研究区概况

研究区位于腾格里沙漠东南缘，乌海至玛沁高速（简称乌玛高速）公路中卫段的人工植被重建区（37°32′N，105°02′E）。作为第一条穿越腾格里沙漠腹地的高速公路，乌玛高速公路需穿越腾格里沙漠腹地约21 km，线路两侧风沙活动强烈，大于5 $m\cdot s^{-1}$的起沙风每年约有200 d，沙丘以流动沙丘为主，平均海拔1339 m，年均气温为9.6 ℃，最低气温-24.5 ℃，最高气温38.1 ℃，年均降水量约为186 mm，且80%的降水集中在7—9月[14]。为了确保乌玛高速的安全运营，乌玛高速公路两侧建立宽约300 m生态防护体系，该区的主要人工固沙灌木包括柠条锦鸡儿（*Caragana korshinskii*）、细枝岩黄耆（*Hedysarum scoparium*）和杨柴（*Hedysarum mongolicum*）等。

2 研究方法

乌玛高速生态防护体系的植被重建区（试验路段）始建于2016年初，以柠条锦鸡儿为建群种，采用低密度栽植方式，即株间距为2 m×3 m。采样时间在2019年6月下旬，分别在乌玛高速人工植被重建区和相邻流沙区设置10 m×10 m的样方各3个，间隔20 m，每个样方中随机选取5个采样点，分别采集0~5 cm、5~10 cm、10~20 cm、20~50 cm和50~100 cm层土壤样品。每一个样方同一土层样品混合成一个样品，采集的土样分为2份，一份在室内自然风干，去除残留的枯枝落叶后过2 mm筛，用于测定土壤理化性质，另一份置于-80 ℃冰箱，用于土壤微生物量检测与高通量测序。

土壤pH用pH计法测定；土壤电导率（EC）用电导仪测定；土壤微生物量碳（MBC）、氮（MBN）采用氯仿熏蒸-K_2SO_4浸提，全自动有机碳/氮分析仪（Elementar vario TOC/TNb Analyzer，德国）测定；土壤微生物量磷（MBP）采用氯仿熏蒸-碳酸氢钠浸提[15]。

DNA提取：土壤微生物群落结构总DNA采用E.Z.N.A.Soil DNA Kit提取试剂盒（Omega Bio-tek，Norcross，GA，U.S.）提取。

PCR扩增采用TransGen AP221-02：TransStart Fastpfu DNA聚合酶，20 μL反应体系的：2.0 μL的2.5×10^{-3} $mol\cdot L^{-1}$脱氧核苷酸（dNTPs），0.8 μL的0.5×10^{-5} $mol\cdot L^{-1}$ 515F引物（5′-GTGCCAGCMGCCGCGG-3′），0.8 μL的0.5×10^{-5} $mol\cdot L^{-1}$ 907R引物（5′-CCGTCAATTCMTTTRAGTTT-3′），4.0 μL的5×FastPfu缓冲液，10 ng模板以及0.4 μL的FastPfu聚合酶，最后加双蒸水（ddH_2O）到20 μL。

反应条件：95 ℃预变性3 min；95 ℃变性30 s，55 ℃退火30 s，72 ℃延伸45 s，27个循环；72 ℃延伸10 min。将收集到的PCR产物进行琼脂糖凝胶电泳，使用AxyPrep DNA凝胶回收试剂盒切胶回收PCR产物，Tris-HCL洗脱；使用QuantiFluorTM-ST蓝色荧光定量系统进行检测。将取得的每一个样品进行等比例混合，最后依照Illumina MiSeq测序平台的标准实验流程来进行双端测序。

Illumina测序：Paired-End Reads通过Reads之间的Overlap关系拼接成长Reads并对拼接后的Reads进行质控，得到Clean Reads根据97%的序列相似度对有效序列进行同源对比，并对操作分类单元（OTU）进行聚类，然后嵌合体过滤聚类后的序列，最后获取用于物种分类的操作分类单元。首先从各种OTU中挑选出一条序列作为代表性序列，然后将各种OTU代表性序列与参考数据库进行比对，从而对各种OTU进行物种注释，最后将每个OTU与对应的物种进行统计，结合物种组成信息结果，得到每个物种的相对丰度。计算各个样品的Alpha多样性指数[16]。

利用JMP 10.0和SPSS 26.0软件对土壤理化性质和细菌群落组成进行处理，应用CANOCO 5.0进行冗余分析，应用Origin 19.0（Origin Lab Corp.，USA）拟合曲线并作图。

3 结果与分析

3.1 土壤微生物群落结构随植被重建的变化

从门分类水平上，研究区土壤微生物主要以放线菌门（Actinobacteria）、变形细菌门（Proteobacteria）、绿弯菌门（Chloroflexi）、酸杆菌门（Acidobacteria）、厚壁菌门（Firmicutes）、拟杆菌门（Bacteroide-

tes)、蓝细菌门(Cyanobacteria)、异常球菌-栖热菌门(Deinococcus-Thermus)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)和螺旋体菌门(Saccharibacteria)为主(图1),其中植被重建区与流沙区的优势细菌门均为放线菌门(58.53%~67.85%)、变形细菌门(16.53%~19.68%),占总序列的78%以上。与流沙区相比,植被重建区的变形细菌门、绿弯菌门、酸杆菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、蓝细菌门、芽单胞菌门和螺旋体菌门的相对丰度高于流沙区,放线菌门和异常球菌-栖热菌门的相对丰度低于流沙区。

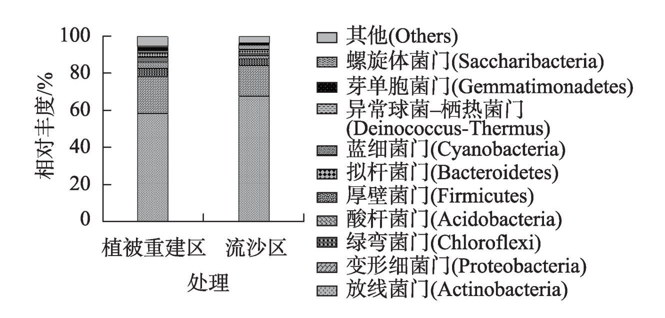


图1 植被重建区与流沙区土壤微生物群落的组成差异(门水平)

Fig. 1 Difference of composition of microbial community in soil of vegetation reconstruction area and quicksand area (phylum level)

从属分类水平上(表1),相对丰度较高的属(相对丰度>1%)为异常球菌属(0.21%~2.44%)、烟草黄色土源菌属(0.44%~1.00%)、微红微球菌属(0.80%~1.02%)、甲基柔膜菌属(0.81%~1.24%)、壤霉菌属(0.41%~1.00%)、微枝型杆菌属(0.72%~1.32%)、大理石雕菌属(0.41%~1.27%)和诺卡氏菌属(1.33%~7.19%),占总序列的7.51%~13.28%。种类繁多,分类地位不明确的稀有细菌类群(相对丰度<1%)占总序列的比例较高。与流沙区相比,植被重建区的异常球菌属、栖水菌属、烟草黄色土源菌属均低于流沙区,其中栖水菌属只有流沙区的0.06倍;植被重建区的微红微球菌属、甲基柔膜菌属、壤霉菌属、微枝型杆菌属、根瘤菌属、大理石雕菌属、诺卡氏菌属均高于流沙区,根瘤菌属达到流沙区的85倍。

表1 植被重建区与流沙区土壤微生物群落相对丰度(属水平)

Tab. 1 Relative abundance of microbial community in soil of vegetation reconstruction area and quicksand area (genus level)

菌属	植被重建区/%	流沙区/%
异常球菌属(*Deinococcus*)	0.21	2.44
栖水菌属(*Enhydrobacter*)	0.04	0.72
烟草黄色土源菌属(*Flavisolibacter*)	0.44	1.00
微红微球菌属(*Rubellimicrobium*)	1.02	0.80
甲基柔膜菌属(*Methylotenera*)	1.24	0.81
壤霉菌属(*Agromyces*)	1.00	0.41
微枝型杆菌属(*Microvirga*)	1.32	0.72
根瘤菌属(*Rhizobium*)	0.85	0.01
大理石雕菌属(*Marmoricola*)	1.27	0.41
诺卡氏菌属(*Nocardioides*)	7.19	1.33

3.2 微生物群落结构随土壤深度的变化特征

从门分类水平上,对流沙区而言,随着土层深度增加放线菌门相对丰度呈先升高后降低趋势,变形细菌门相对丰度表现为先降低后升高趋势;在植被重建区,放线菌门与变形细菌门相对丰度则无显著规律。与流沙区相比植被重建区随土壤深度呈波动性变化,放线菌门相对丰度在0~5 cm、5~10 cm相比流沙区增加10.70%、37.28%,而在10~20 cm、20~50 cm、50~100 cm降低30.74%、4.55%、51.21%;变形细菌门相对丰度与放线菌门相对丰度变化趋势相反,在0~5 cm、5~10 cm降低9.14%、56.13%,10~20 cm、20~50 cm、50~100 cm升高221.76%、93.88%、125.85%(图2a~e)。此外,植被恢复区蓝细菌门在0~5 cm土层的相对丰度为5.61%,是流沙区的近12倍,其他土层均不超过0.20%。相比流沙区,植被重建区各土层优势土壤微生物的相对丰度大部分高于流沙区。

在属分类水平上,与流沙区相比,植被重建区各种土壤微生物相对丰度平均为流沙区相同土层的0.26~329.17倍(图3a~e),差异显著。植被重建后,土壤中大理石雕菌属、壤霉菌属、微红微球菌属和烟草黄色土源菌属在10~20 cm土层分别是流沙区同土层的12.01、21.68、2.00和2.31倍;栖水菌属、异常球菌属和微枝型杆菌属在0~5 cm土层分别是流沙区同土层的2.15、1627和2.55。

3.3 植被重建区与流沙区土壤微生物物种数差异

在物种水平上,同一区域不同土层之间土壤微生物物种存在差异(表2),流沙区各个土层(0~5 cm、5~10 cm、10~20 cm、20~50 cm、50~100 cm)种数分别为1908、1547、1164、1362、1398种,呈先下降后上升趋势;植被重建区与流沙区变化趋势相同,各个土层也呈先下降后上升趋势,各个土层(0~5 cm、

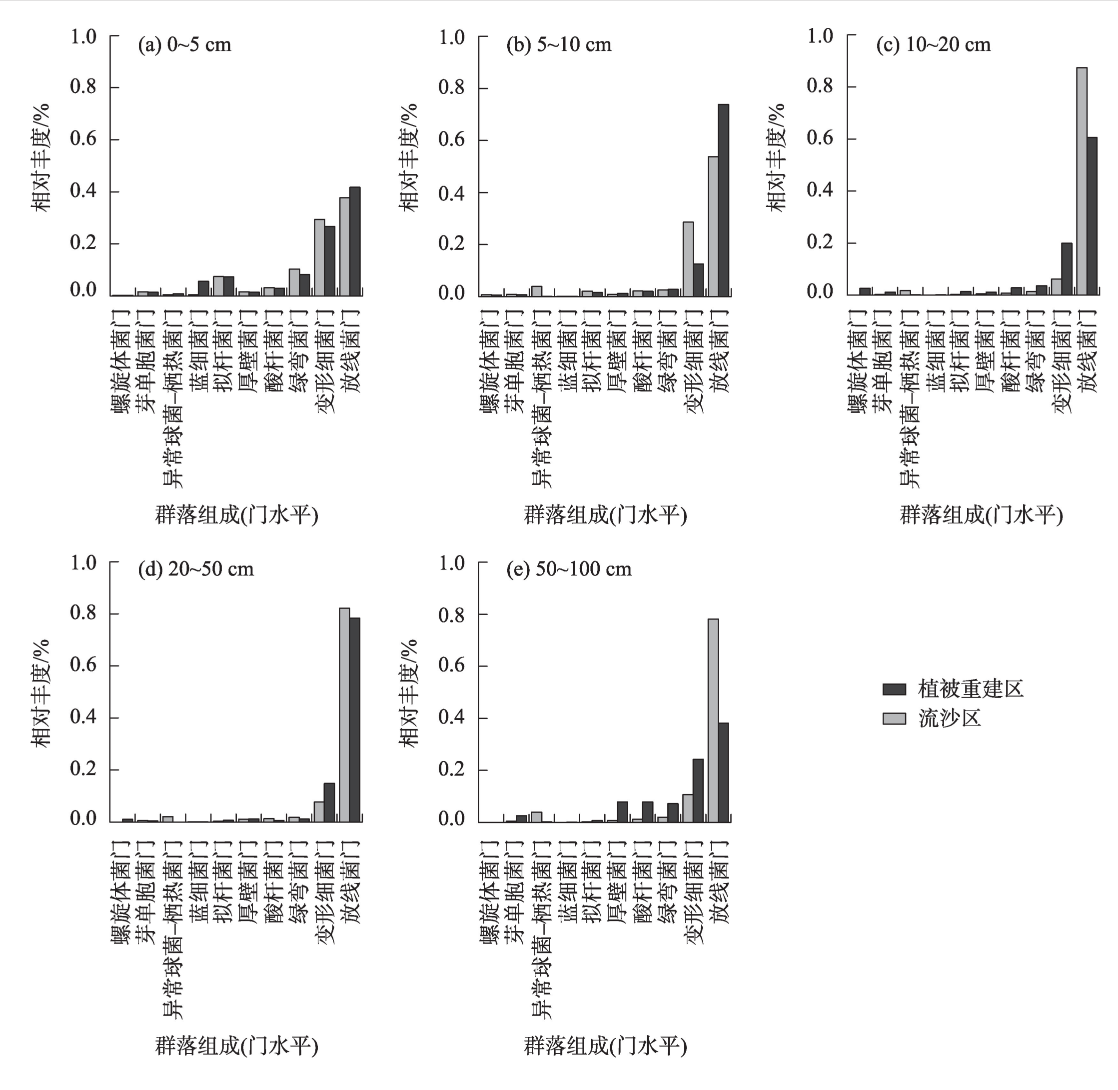


图2 植被重建区和流沙区各土层微生物群落的组成差异(门水平)

Fig. 2 Difference of microbial community composition in each soil layer of vegetation reconstruction area and quicksand area (phylum level)

5~10 cm、10~20 cm、20~50 cm、50~100 cm)微生物种数分别为1815、1576、1589、1073、1956种。在OTU水平上与流沙区相比，植被重建区各个土层(0~5 cm、5~10 cm、10~20 cm、20~50 cm和50~100 cm)特有的OTU数均高于相同土层流沙区，共有OTU数分别为1365、1044、901、709、1079种(图4a~b、图5a~e)。

3.4 植被重建区与流沙区土壤微生物多样性差异

土壤微生物多样性指数[Chao1指数、Ace指数、辛普森多样性(Simpson)指数和香农多样性(Shannon)指数]表示生物群落中的物种多寡。由表2可知，流沙区和植被重建区Chao1、Ace、Simpson指数和Shannon指数均随土层深度增加呈先下降后上升趋势，表层(0~5 cm)最高。与流沙区相比，除了20~50 cm土层，植被重建区其他土层的发现物种数、Chao1、Ace、Simpson指数和Shannon指数均高于流沙区。而就不同土壤深度而言，只有在50~100 cm土层，植被重建区发现物种数、Chao 1、Ace、Simpson指数和Shannon指数大于流沙区(表2)。

3.5 植被重建对群落结构组成及理化性质的影响

从图6可以看出，各个土层土壤样品间没有重叠，植被重建区和流沙区可分为2大类，流沙区不同样品之间分布较紧密，植被重建区不同样品之间分布较疏远，特别是20~50 cm和50~100 cm。

植被重建后土壤理化性质及微生物量均存在显著变化，对土壤pH、EC及盐分含量(Salt)而言，与流沙区相比植被恢复重建后含量整体降低；EC及Salt只有流沙区的0.54、0.56倍。植被重建区MBP

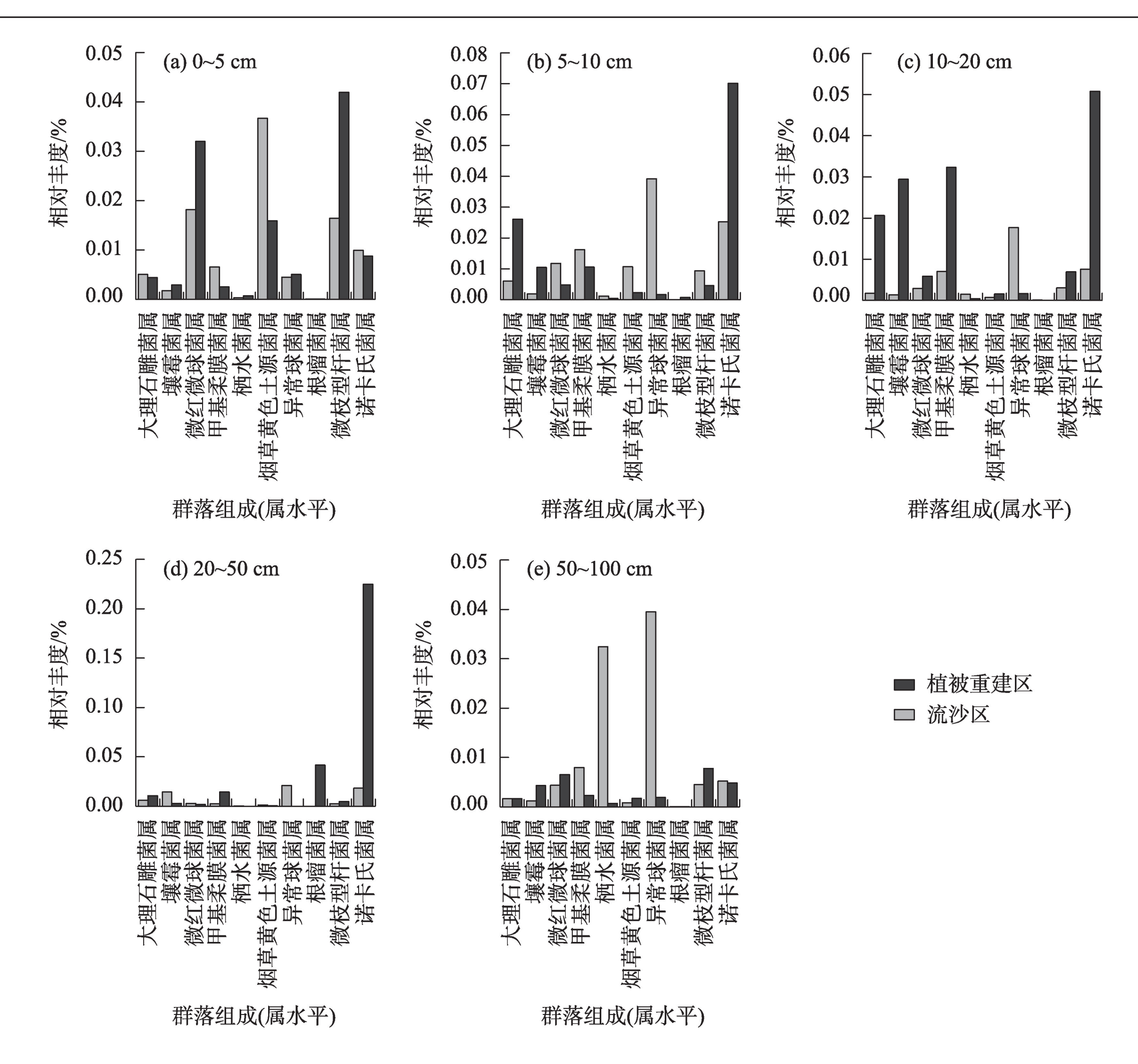


图3 植被重建区和流沙区各土层微生物群落的组成差异(属水平)

Fig. 3 Difference of microbial community composition in each soil layer of vegetation reconstruction area and quicksand area (genus level)

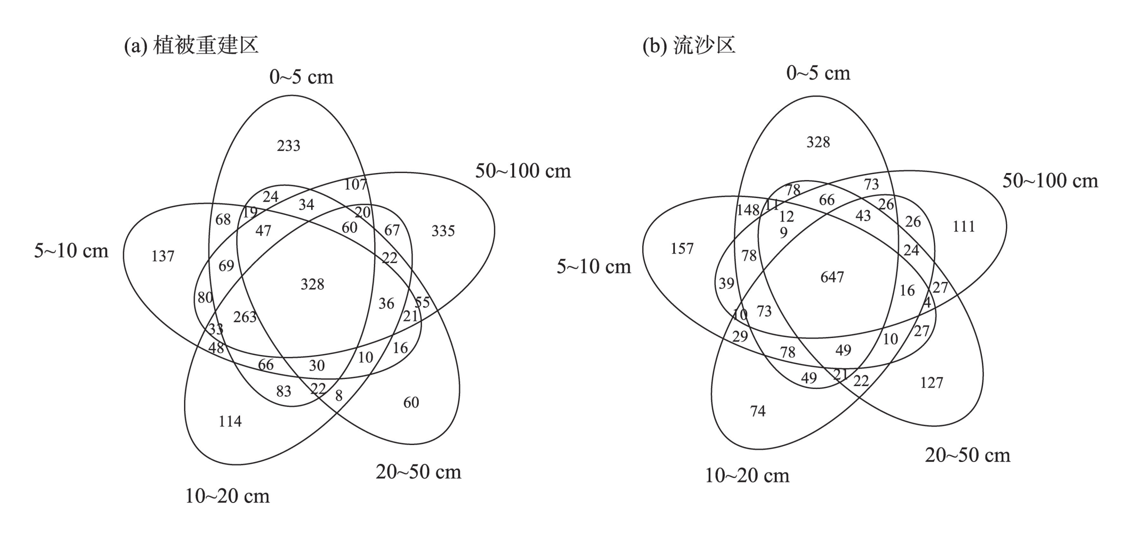
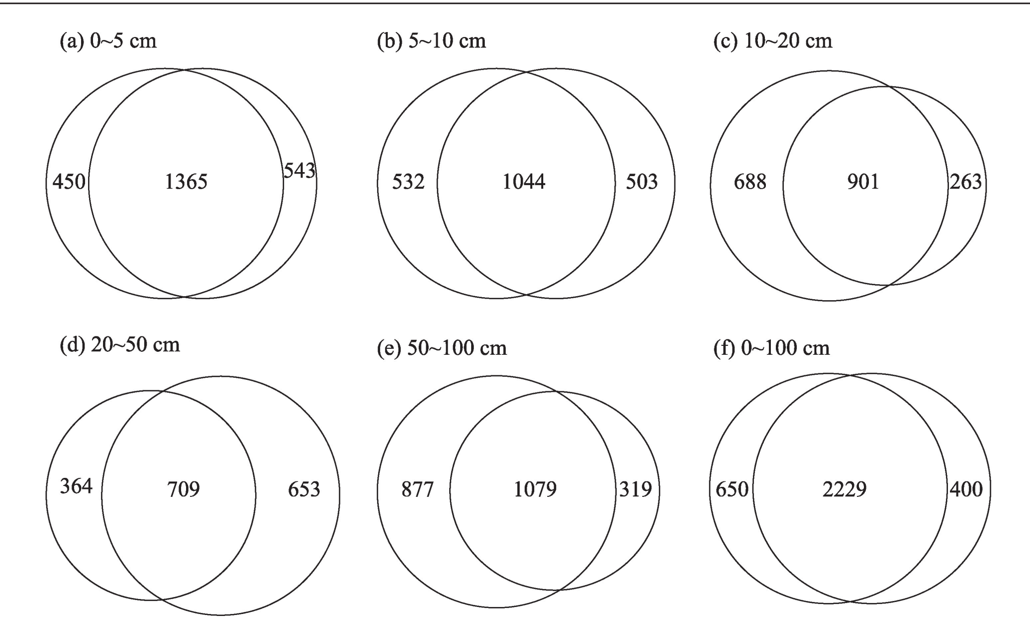


图4 植被重建区和流沙区不同土层间的OTU的差异

Fig. 4 Difference of OTU between different soil layers in vegetation reconstruction area and quicksand area



注：左边圆圈是重建区，右边是流沙区，圆圈大小不同表示两者差距较大。

图5　植被重建区与流沙区相同土层的OTU的差异

Fig. 5　Difference of OTU between the same soil layer in vegetation reconstruction area and quicksand area

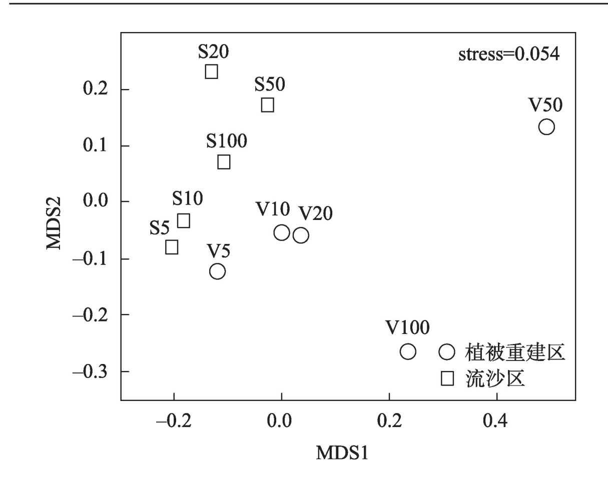
表2　植被重建区与流沙区微生物群落的丰度和多样性指数

Tab. 2　Abundance and diversity index of microbial communities in vegetation reconstruction area and quicksand area

区域	土层/cm	平均长度/bp	物种数	距离	覆盖度	Chao1指数	Ace指数	Simpson指数	Shannon指数
植被重建区	0~5	411	1815	0.03	0.985	2886	2423	0.980	7.878
	5~10	409	1576	0.03	0.990	1812	1876	0.734	5.033
	10~20	411	1589	0.03	0.992	1750	1778	0.865	6.248
	20~50	411	1073	0.03	0.991	1451	1434	0.744	4.041
	50~100	415	1956	0.03	0.991	2093	2177	0.960	8.100
	平均	411	1602	0.03	0.990	1998	1938	0.857	6.260
流沙区	0~5	412	1908	0.03	0.991	2101	2137	0.986	8.207
	5~10	413	1547	0.03	0.991	1758	1807	0.893	6.212
	10~20	410	1164	0.03	0.988	1730	1675	0.352	2.309
	20~50	410	1362	0.03	0.991	1533	1644	0.549	3.599
	50~100	410	1398	0.03	0.988	1771	1830	0.521	3.330
	平均	411	1476	0.03	0.990	1779	1819	0.660	4.731

在0~5 cm、5~10 cm和10~20 cm相比流沙区增加1.38、1.85和5.40倍，而在20~50 cm降低12.34倍；而对土壤MBC而言，其在植被重建区0~5 cm、5~10 cm、10~20 cm、20~50 cm和50~100 cm分别为85.47 mg·kg^{-1}、144.19 mg·kg^{-1}、392.87 mg·kg^{-1}、25.26 mg·kg^{-1}和583.18 mg·kg^{-1}，相比流沙区分别增加7.64、2.26、32.68、1.85倍和6.48倍；对土壤MBN而言，其在流沙区随着土层深度增加含量逐渐减小，但在植被重建区则随着土壤深度增加含量逐渐升高，与流沙区相比，植被重建区MBN分别增加0.35、0.40、0.59、0.92倍和1.71倍；植被重建区微生物量碳氮比(MBC:MBN)均高于流沙区。综上，与流沙区相比，植被重建后土壤pH、EC及Salt降低；MBP、MBC与MBC:MBN在表中层(0~5 cm、5~10 cm和10~20 cm)高于流沙区(表3)。

为揭示土壤理化性质及微生物生物量与微生物多样性的关系，以微生物多样性为响应变量，土壤理化性质及微生物量为解释变量进行冗余分析。由图7可知，微生物多样性与土壤理化性质及微生物生物量密切相关，不同因子对微生物多样性



注:MDS1、MDS2分别为多尺度分析的轴1和轴2;stress为胁迫系数;V5、S5等为样地。

图6 不同样品的非度量多维尺度排序图

Fig. 6 Non-metric multidimensional scale ordering of different samples

的解释度有较大差异,流沙区第一轴和第二轴分别解释了87.40%和11.72%,其中pH、MBN、氧化还原电位(Eh)、Salt、MBP、MBC:MBN和EC对土壤微生物多样性影响较大,表现为pH>MBN>Eh>MBP>Salt>MBC:MBN>EC>MBC;植被重建区第一轴和第二轴分别解释了90.56%和7.49%,其中EC、pH、Eh、MBC、Salt、MBP、MBC:MBN和MBN对土壤微生物多样性影响较大,表现为EC>pH>Eh>MBC>Salt>MBN>MBC:MBN>MBP。pH在植被重建区与生物多样性呈正相关,而流沙区则反之。

4 讨论

本研究发现流沙区与植被重建区土壤微生物群落组成相似,主要有放线菌门、变形细菌门、绿弯菌门、酸杆菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、蓝细菌门、异常球菌-栖热菌门、芽单胞菌门和螺旋体菌门10类菌群;但相对丰度有所不同,植被重建区大部分土壤微生物菌门相对丰度高于流沙区。诸多研究表明放线菌门、变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门为荒漠土壤中的主要细菌类群[4]。放线菌通常在荒漠地区占据主导地位[17-18],作为一类耐热又喜弱碱性土壤的细菌,能降解植物残体中的纤维素及木质素,为土壤提供养分[19],并通过孢子丝状生长方式,耐受紫外辐射、干旱高温带来的损伤,进而适应严酷的风沙环境。变形菌门是多数土壤中的优势细菌类群,含量与土壤氮循环与植物光合作用强度呈正相关[18]。植被重建后,植物枯枝落叶等经过微生物不断分解进入土壤,增加土壤养分含量,变形菌利用有机氮提高土壤固氮能力,土壤有机碳及全氮含量的增加为变形菌的生长繁殖提供营养条件,使其丰度不断提高[8,20]。

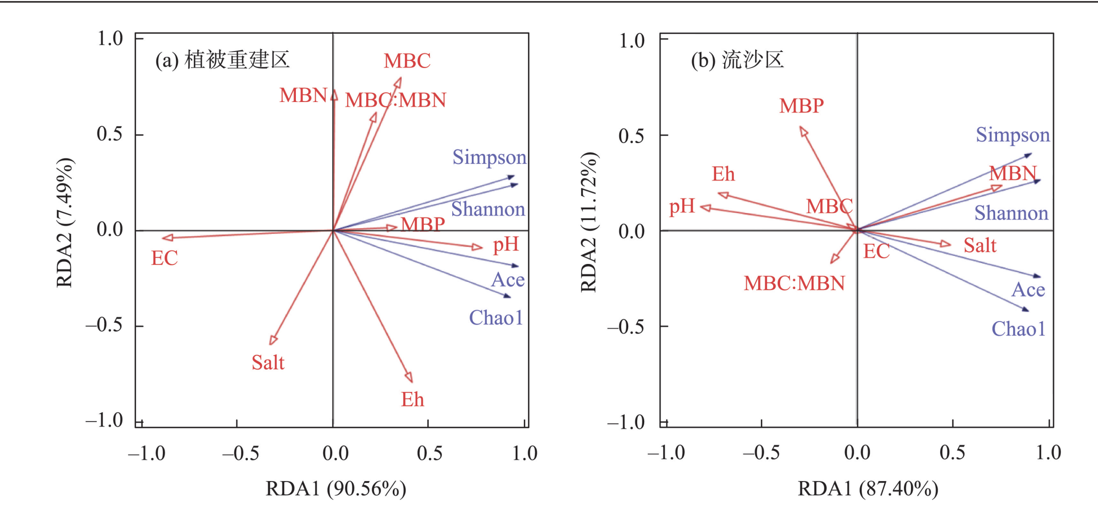
沙漠环境干旱少雨,土壤微生物主要以植物残体为营养源,同时在植物的生长期间植物根系分泌各种离子及化合物,为微生物提供了丰富的养分,土壤微生物又通过对凋落物的进一步分解,增加土壤有机质等养分,土壤养分的增加又会促进土壤微生物的繁殖[21];而流沙区基本无植被覆盖,相比植被重建区缺乏根系分泌物及地上凋落物等营养源,从而限制了微生物的生长繁殖[22]。另一方面,植被重建恢复后通过影响土壤水分、养分与温度等进而对土壤微生物产生影响,土壤微生物数量与植物凋落物、植被盖度与有机质含量呈正相关关系[17]。许

表3 植被重建区和流沙区的土壤理化性质及微生物量

Tab. 3 Soil physicochemical properties and microorganisms in vegetation revegetation area and quicksand area

区域	土层/cm	pH	EC/μS·cm^{-1}	Salt/ng·L^{-1}	MBP/mg·kg^{-1}	MBC/mg·kg^{-1}	MBN/mg·kg^{-1}	MBC:MBN	Eh/mV
植被重建区	0~5	8.21	40.80	0.20	0.18	85.47	0.95	89.95	−63.1
	5~10	8.15	43.00	0.20	0.26	144.19	0.92	156.92	−78.0
	10~20	8.19	41.70	0.20	0.27	392.87	1.16	338.38	−84.0
	20~50	8.13	45.20	0.20	0.03	25.26	1.74	14.54	−89.0
	50~100	8.16	41.80	0.20	0.20	583.18	2.32	251.83	−95.9
流沙区	0~5	7.92	79.60	0.40	0.13	11.19	2.74	4.09	−67.5
	5~10	8.43	78.80	0.40	0.14	63.84	2.32	27.54	−66.2
	10~20	8.41	81.70	0.40	0.05	12.02	1.97	6.09	−66.2
	20~50	8.53	78.30	0.30	0.37	13.68	1.89	7.25	−63.7
	50~100	8.69	74.30	0.30	0.20	90.00	1.35	66.70	−64.0

注:EC为土壤电导率;Salt为盐分含量;MBP为土壤微生物量磷;MBC为土壤微生物量碳;MBN为土壤微生物量氮;MBC:MBN为土壤微生物量碳氮比;Eh为氧化还原电位。



注：RDA1、RDA2分别为冗余分析的轴1和轴2；MBP为土壤微生物量磷；MBC为土壤微生物量碳；MBN为土壤微生物量氮；Eh为氧化还原电位；EC为土壤电导率；Salt为盐分含量。

图7　植被重建区和流沙区土壤微生物多样性与土壤环境因子的冗余分析

Fig. 7　Redundancy analysis of soil microbial diversity and soil environmental factors in vegetation reconstruction area and quicksand area

华等[15]的研究表明土壤微生物碳、氮含量在春季维持在较高水平，秋季维持在较低的水平。土壤微生物是受生物因素与非生物因素的综合影响，植被的恢复重建促进土壤微生物数量及活性增加。在土壤微生物属水平上，植被重建区的微红微球菌属、甲基柔膜菌属、壤霉菌属、微枝型杆菌属、根瘤菌属、大理石雕菌属、诺卡氏菌属高于流沙区，其中根瘤菌属更是达到85倍。研究区种植的柠条锦鸡儿为豆科植物，可与根瘤菌形成共生固氮体系从而改善风沙土贫瘠的养分状况。

土壤微生物多样性和丰度是生态系统健康稳定的体现[23]。研究表明，微生物多样性受到生物因素与非生物因素的影响，植物不仅提供营养物质丰富的栖息地，还会影响土壤微生物的选择性[24]。戴雅婷等[25]以库布齐沙地土壤微生物为研究对象，发现植被重建恢复后土壤细菌多样性、丰度较流沙区显著增加，原因是流动沙丘土壤养分含量低，限制了微生物的发育，而在固沙植被建立后，植物体凋落物会归还土壤、植物根系的分泌物以及土壤细粒物质含量增多使土壤养分增加，促进了微生物量逐渐增加[26–27]。杨瑞红等[28]在古尔班通古特沙漠的研究表明沙漠植被不仅土壤细菌多样性丰富，且存在一定数量的微生物新种，植被类型、气候变化等因素对土壤微生物多样性均有影响。在本研究中，植被重建区的多样性指数均高于流沙区，且分类地位不明确的稀有细菌类群占总序列的比例较高，是因为重建初期土壤养分贫瘠，而细菌针对较简单、易分解的物质，通过氨化作用改善土壤氮限制；另外，干旱沙区昼夜温差大，细菌群落的变化在某种程度上对地理生态环境的响应以及对各种环境因素变化的承受能力不同所造成[20,22,25]。此外，土壤微生物多样性与植物群落多样性呈正相关，植被类型及数量是导致土壤微生物发生变化的重要因素[29]。植被恢复重建后，植被地上凋落物及根系分泌物的分解转化促进了土壤微生物对养分的吸收转化，为微生物的生长提供了了丰富的营养源及良好的生长环境，促进微生物的生长[30–31]。

土壤中微生物量在一定程度上能够反应生态系统的土壤肥力、植物生产力等，对环境变化响应十分敏感[15]。不同植被恢复方式、不同植被生长阶段等对土壤微生物碳氮磷具有不同程度的影响，不同的植被群落对微生物量碳氮磷影响非常显著[32]。土壤有机质、总氮是土壤微生物碳、氮的主要来源，温度、水分作为限制土壤微生物的重要因素，温度与水分的变化会影响有机质的分解转化，从而影响土壤微生物对有机质和氮的利用[15]。植物在正常的生长发育过程中，将代谢产物、凋落物等不断释放到环境当中，同时，根系分泌物也不断地在与土壤溶液进行离子交换，促进了根系与土壤生态系统的物质循环与能量流动[33]。本研究发现，与流沙区相比，植被恢复重建初期土壤pH、EC及Salt降低；MBP、MBC与MBC:MBN在表中层（0~5 cm、5~10 cm

和10~20 cm)高于流沙区。土壤微生物具有垂直分布规律,植被恢复初期时间较短,表层土壤植被根系分布较为发达,加之有凋落物输入,土层透气性较高,能为土壤微生物提供相对丰富的营养物质与生长空间,使土壤微生物大量繁衍,而底层植被根系分布较少,无凋落物输入,加之土壤容重增加致使透气性降低,不利于土壤微生物生存与繁殖[28]。但随恢复年限的增加,植物根系向土壤深层发育,逐渐改善底层土壤的理化状态与营养环境,深层土壤的含水率和孔隙率逐渐增加,加强了土壤中的离子交换,改善养分状况,进而使微生物群落的分布向深层发展;并且,长期生态恢复结果表明,不同恢复阶段植被对于土壤环境微生物影响存在差异,例如,在植被恢复前期油蒿更利于氮元素循环的微生物(氨化细菌和硝化细菌数量)的恢复,而植被恢复后期柠条更有利于纤维素分解菌的改善[13,27]。

5 结 论

植被重建区与流沙区土壤微生物群落组成相似,均以放线菌门、变形细菌门等为优势类群;优势菌属包括诺卡氏菌属、甲基柔膜菌属、微红微球菌属和微枝型杆菌属,分类地位不明确的稀有类群占总序列的较高。植被重建区大部分菌门丰度、多样性均显著高于流沙区。植被恢复重建后土壤化学性质和微生物量碳、氮、磷得到显著提高。土壤生境和微生物群落的恢复与改善是干旱风沙区生态恢复的关键表征,也是人工植被结构和功能稳定性评价的重要依据。

参考文献(References)

[1] 马晓俊, 李云飞. 腾格里沙漠东南缘植被恢复过程中土壤微生物量及酶活性[J]. 中国沙漠, 2019, 39(6): 159-166. [Ma Xiaojun, Li Yunfei. Soil microbial biomass and enzyme activities during revegetation process in the southeastern frige of the Tengger Desert[J]. Journal of Desert Research, 2019, 39(6): 159-166.]

[2] 刘世荣. 荒漠化地区植被恢复与重建的生态对策[C]//周光召. 全面建设小康社会: 中国科技工作者的历史责任——中国科协2003年学术年会论文集(上). 北京: 中国科学技术出版社, 2003: 182-183. [Liu Shirong. Ecological countermeasures for vegetation restoration and reconstruction in desertification areas[C]// Zhou Guangzhao. Building a Well-off Society in an All-round Way: The Historical Responsibility of Chinese Scientists and Technologists: Proceedings of 2003 Annual Conference of China Association for Science and Technology (I). Beijing: Science and Technology of China Press, 2003: 182-183.]

[3] 张燕燕, 曲来叶, 陈利顶, 等. 黄土丘陵沟壑区不同植被类型土壤微生物特性[J]. 应用生态学报, 2010, 21(1): 165-173. [Zhang Yanyan, Qu Laiye, Chen Liding, et al. Soil microbial properties under different vegetation types in Loess hilly region[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2010, 21(1): 165-173.]

[4] 李晓娜, 王超, 张微微, 等. 京郊荒滩地短期植被恢复对土壤理化性质及微生物群落结构的影响[J]. 水土保持学报, 2019, 33(5): 343-348, 357. [Li Xiaona, Wang Chao, Zhang Weiwei, et al. Effects of short-term vegetation restoration on soil physicochemical characteristics and microbial community structures in the wasteland of Beijing suburb[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2019, 33(5): 343-348, 357.]

[5] 石万里, 王辉, 马维伟. 沙区植被恢复对土壤微生物量及活性的影响[J]. 中国沙漠, 2017, 37(3): 507-513. [Shi Wanli, Wang Hui, Ma Weiwei. Effects of vegetation restoration on soil microbial biomass and activity in desert area[J]. Journal of Desert Research, 2017, 37(3): 507-513.]

[6] 张振佳, 曹银贵, 王舒菲, 等. 平朔黄土露天矿区复垦地表层土壤微生物与酶活性分析[J]. 生态学报, 2021, 41(1): 110-123. [Zhang Zhenjia, Cao Yingui, Wang Shufei, et al. Characteristics and differences of surface soil microbial population and enzyme activities in opencast mining area of Pingshuo[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(1): 110-123.]

[7] 韦应莉, 曹文侠, 李建宏, 等. 不同放牧与围封高寒灌丛草地土壤微生物群落结构PLFA分析[J]. 生态学报, 2018, 38(13): 4897-4908. [Wei Yingli, Cao Wenxia, Li Jianhong, et al. Phospholipidfatty acid (PLFA) analysis of soil microbial community structure with different intensities of of grazing and fencing in alpine shrubland[J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(13): 4897-4908.]

[8] 马欣, 罗珠珠, 张耀全, 等. 黄土高原雨养区不同种植年限紫花苜蓿土壤细菌群落特征与生态功能预测[J]. 草业学报, 2021, 30(3): 54-67. [Ma Xin, Luo Zhuzhu, Zhang Yaoquan, et al. Distribution characteristics and ecological function predictions of soil bacterial communities in rainfed alfalfa fields on the Loess Plateau [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2021, 30(3): 54-67.]

[9] 张超, 马亚亚, 刘国彬, 等. 黄土高原植被恢复过程中土壤微生物的演变特征[J]. 水土保持通报, 2018, 38(6): 240-247. [Zhang Chao, Ma Yaya, Liu Guobin, et al. Evolution of soil microbial community during vegetation restoration in Loess Plateau[J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2018, 38(6): 240-247.]

[10] 张海芳. 呼伦贝尔沙地不同植被恢复模式土壤微生物多样性[D]. 天津: 天津师范大学, 2012. [Zhang Haifang. Soil microbial diversity under different vegetation restoration modes in Hulun Buir Sandy Land[D]. Tianjin: Tianjin Normal University, 2012.]

[11] 周智彬, 李培军. 塔克拉玛干沙漠腹地人工绿地土壤中微生物的生态分布及其与土壤因子间的关系[J]. 应用生态学报, 2003, 14(8): 1246-1250. [Zhou Zhibin, Li Peijun. Ecological distri-

bution of soil microorganism in artificial greenbelt in hinterland of Takilimakan Desert and their relations with soil factors[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2003, 14(8): 1246−1250.]

[12] 卢小妹. 民勤人工梭梭林土壤微生物时空异质性与土壤非生物因子关系研究[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2015. [Lu Xiaomei. Relationship of heterogeneity and non-biological soil factors in soil microbial of *Haloxylon ammodendron* from Minqin[D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2015.]

[13] 吕星宇, 张志山. 固沙植被区土壤质地与土壤微生物数量的关系[J]. 中国沙漠, 2019, 39(5): 71−79. [Lü Xingyu, Zhang Zhishan. Recovery of soil microbe quantities dependent on fine particle contents after establishment of sand-fixing revegetation in desert region[J]. Journal of Desert Research, 2019, 39(5): 71−79.]

[14] 张克存, 安志山, 何明珠, 等. 乌海至玛沁高速公路中卫段风沙环境特征及沙害防治[J]. 干旱区地理, 2021, 44(4): 983−991. [Zhang Kecun, An Zhishan, He Mingzhu, et al. Aeolian sand environments and disaster prevention along Zhongwei section of the Wuhai-Maqin Highway[J]. Arid Land Geography, 2021, 44(4): 983−991.]

[15] 许华, 何明珠, 唐亮, 等. 荒漠土壤微生物量碳、氮变化对降水的响应[J]. 生态学报, 2020, 40(4): 1295−1304. [Xu Hua, He Mingzhu, Tang Liang, et al. Responses of changes of microbial biomass carbon and nitrogen to precipitation in desert soil[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, 40(4): 1295−1304.]

[16] 李宇君, 张磊. 基于沙地指数模型的沙地监测方法[J]. 地球信息科学学报, 2021, 23(4): 680−691. [Li Yujun, Zhang Lei. Sandy land monitoring method based on classification index model[J]. Journal of Geo-information Science, 2021, 23(4): 680−691.]

[17] 李婷, 张威, 刘光琇, 等. 荒漠土壤微生物群落结构特征研究进展[J]. 中国沙漠, 2018, 38(2): 329−338. [Li Ting, Zhang Wei, Liu Guangxiu, et al. Advances in the study of microbial ecology in desert soil[J]. Journal of Desert Research, 2018, 38(2): 329−338.]

[18] 李帅, 董雷, 李文均. 荒漠放线菌的资源分布、多样性及分离方法研究进展[J]. 生物资源, 2020, 42(5): 481−493. [Li Shuai, Dong Lei, Li Wenjun. Distribution, diversity and isolation methods of *Actinobacteria* in desert[J]. Biotic Resources, 2020, 42(5): 481−493.]

[19] 邵玉琴, 赵吉, 朱艳华, 等. 科尔沁不同类型沙地土壤微生物类群的研究[J]. 内蒙古大学学报(自然科学版), 2007(6): 678−682. [Shao Yuqin, Zhao Ji, Zhu Yanhua, et al. Study on soil microorganism groups of different types of sandy land in Korqin Inner Mongolia[J]. Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Neimongol (Natural Science Edition), 2007(6): 678−682.]

[20] 靳新影, 张肖冲, 金多, 等. 腾格里沙漠东南缘不同生物土壤结皮细菌多样性及其季节动态特征[J]. 生物多样性, 2020, 28(6): 718−726. [Jin Xinying, Zhang Xiaochong, Jin Duo, et al. Diversity and seasonal dynamics of bacteria among different biological soil crusts in the southeast Tengger Desert[J]. Biodiversity Science, 2020, 28(6): 718−726.]

[21] 孙沛沛, 钱朝菊, 尹晓月, 等. 半干旱区沙地蒿类植被建成对土壤细菌的影响[J]. 生态学报, 2020, 40(16): 5783−5792. [Sun Peipei, Qian Chaoju, Yin Xiaoyue, et al. Effects of artemisia vegetation built on soil bacteria in semi-arid sandy land[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, 40(16): 5783−5792.]

[22] 王彦武, 柴强, 欧阳雪芝, 等. 民勤绿洲荒漠过渡带固沙林土壤微生物数量和酶活性研究[J]. 干旱区地理, 2016, 39(1): 104−111. [Wang Yanwu, Chai Qiang, Ouyang Xuezhi, et al. Soil microbial populations and enzyme activity under different sand-fixation forest in oasis-desert ecotone of Minqin Desert[J]. Arid Land Geography, 2016, 39(1): 104−111.]

[23] 高东, 何霞红. 生物多样性与生态系统稳定性研究进展[J]. 生态学杂志, 2010, 29(12): 2507−2513. [Gao Dong, He Xiahong. Research advances on biodiversity and ecosystem stability[J]. Chinese Journal of Ecology, 2010, 29(12): 2507−2513.]

[24] 李靖宇, 张琇, 孙敏, 等. 腾格里沙漠沙坡头地区土壤微生物多样性分析[J]. 生态与农村环境学报, 2016, 32(5): 780−787. [Li Jingyu, Zhang Xiu, Sun Min, et al. Analysis of soil microbial diversity in Shapotou area of Tengger Desert[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2016, 32(5): 780−787.]

[25] 戴雅婷, 闫志坚, 解继红, 等. 基于高通量测序的两种植被恢复类型根际土壤细菌多样性研究[J]. 土壤学报, 2017, 54(3): 735−748. [Dai Yating, Yan Zhijian, Xie Jihong, et al. Soil bacteria diversity in rhizosphere under two types of vegetation restoration based on high throughput sequencing[J]. Acta Pedologica Sinica, 2017, 54(3): 735−748.]

[26] 王彦武, 罗玲, 张峰, 等. 河西绿洲荒漠过渡带梭梭林土壤保育效应[J]. 土壤学报, 2019, 56(3): 749−762. [Wang Yanwu, Luo Ling, Zhang Feng, et al. Soil conservation effects of *Haloxylon ammodendron* bushes in Hexi Oasis Desert Ecotone[J]. Acta Pedologica Sinica, 2019, 56(3): 749−762.]

[27] 杨贵森, 吕星宇, 虎瑞, 等. 腾格里沙漠固沙植被区微生境土壤微生物功能群时空格局[J]. 土壤学报, 2022, 59(2): 580−590. [Yang Guisen, Lü Xingyu, Hu Rui, et al. Spatial and temporal patterns of soil microbial functional groups in different microhabitats in sand-fixing revegetation area in the Tengger Desert[J]. Acta Pedologica Sinica. 2022, 59(2): 580−590.]

[28] 杨瑞红, 赵成义, 王新军, 等. 梭梭和柽柳土壤微生物多样性初步分析[J]. 土壤, 2016, 48(6): 1120−1130. [Yang Ruihong, Zhao Chengyi, Wang Xinjun, et al. Phylogenetic diversity preliminary analysis of *Haloxylon ammodendron* and *Tamarix ramosissima* soil bacteria[J]. Soils, 2016, 48(6): 1120−1130.]

[29] 舒维花, 蒋齐, 王占军, 等. 植被恢复对土壤微生物的影响[J]. 农业科学研究, 2012, 33(1): 73−79. [Shu Weihua, Jiang Qi, Wang Zhanjun, et al. Research advances about the effects of vegetation recovery on soil microorganism[J]. Journal of Agricultural Sciences, 2012, 33(1): 73−79.]

[30] 陈孟立, 曾全超, 黄懿梅, 等. 黄土丘陵区退耕还林还草对土壤细菌群落结构的影响[J]. 环境科学, 2018, 39(4): 1824−1832. [Chen Mengli, Zeng Quanchao, Huang Yimei, et al. Effects of the

program of converting farmland into forest or grassland on soil bacterial community structure in Loess Hilly Region[J]. Environmental Science, 2018, 39(4): 1824−1832.]

[31] 李媛媛, 彭梦文, 党寒利, 等. 塔里木河下游胡杨根际土壤细菌群落多样性分析[J]. 干旱区地理, 2021, 44(3): 750−758. [Li Yuanyuan, Peng Mengwen, Dang Hanli, et al. Bacterial communities diversity of *Populus euphratica* rhizospheric soil in the lower reaches of Tarim River[J]. Arid Land Geography, 2021, 44(3): 750−758.]

[32] 蒲洁, 齐雁冰, 王茵茵, 等. 农牧交错带不同植被群落对土壤微生物量碳氮磷的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2015, 33(4): 279−285. [Pu Jie, Qi Yanbing, Wang Yinyin, et al. Effects of different plant communities on soil microbial biomass carbon, nitrogen and phosphorus in the agro-pastoral transitional zone of northern Shaanxi Province[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2015, 33(4): 279−285.]

[33] 韩晓姝. 科尔沁沙地不同固沙群落土壤微生物多样性研究[D]. 沈阳: 东北大学, 2010. [Han Xiaoshu. Soil microbial diversity of different sand-fixation plantations in Horqin Sandy Land[D]. Shenyang: Northeastern University, 2010.]

Effect of preliminary vegetation reconstruction on soil microorganism community structure in arid desert area

ZHANG Libin[1,2], HE Mingzhu[1,2], ZHANG Kecun[1], AN Zhishan[1], WANG Jinguo[3], HUI Yingxin[4], JIA Xiaolong[4]

(1. Northwest Institute of Eco-Environment and Resources, Chinese Academy of Sciences, Lanzhou 730000, Gansu, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3. Ningxia Transportation Investment Engineering Construction Management Co. Ltd, Yinchuan 750000, Ningxia, China; 4. Ningxia Communication Construction Co. Ltd, Yinchuan 750000, Ningxia, China)

Abstract: To elucidate the effect of revegetation on soil microbial community structure in an arid desert region, the revegetation area built to protect the Wuhai-Maqin Highway across the Tengger Desert, northwest China from dune blow was selected as the study area. High-throughput sequencing technology was applied to reveal the characteristics of soil microbial community structure under the revegetation, and selecting the moving dune as a comparison. Results found that microbial community composition was similar between the revegetated soil and moving dune, dominated by Actinobacteria (58.53%−67.85%) and Proteobacteria (16.53%−19.68%). *Nocardia*, *Methylotenera*, *Rubellimicrobium*, and *Microvirga* were the dominant genera in the revegetation area and moving dune. In contrast to the moving dune, the revegetation significantly increased the relative abundance and diversity of most phylum of microorganisms but significantly decreased soil pH, electrical conductivity, and salinity. Furthermore, compared with the moving dune, the revegetation significantly increased soil microbial biomass P and C∶N at three soil layers, including 0−5 cm, 5−10 cm, and 10−20 cm. Overall, the revegetation could significantly improve the nutrient level and the relative abundance and diversity of soil microorganisms at the topsil layer of the desert ecological protection belt beside the highway.

Key words: arid windy sand area; vegetation reconstruction; microbial community structure